

การบ่งชี้โรคไข้เลือดออกแดงก็จากเม็ดเลือดขาวโดยเทคนิคเอสวีเอ็ม

Dengue Virus Detection from Write Blood Cell based on SVM Technique

สารัช ตันตินิกิตติ¹ และ วิเชียร เปรมชัยสวัสดิ์²

บัณฑิตวิทยาลัย สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยสยาม กรุงเทพมหานคร 10160^{1,2}

E-mail: nick_sarach@hotmail.com¹, wichian@siam.edu²

บทคัดย่อ

งานวิจัยฉบับนี้ได้พัฒนาวิธีการและโมเดลการวินิจฉัยโรคไข้เลือดออกที่เกิดจากไวรัสเดงกีโดยใช้วิธีการประมวลผลภาพเลือด โดยระบบรู้จำชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากภาพจากกล้องจุลทรรศน์กำลังขยาย 400 เท่า โดยอาศัยกระบวนการประมวลผลภาพประกอบด้วยการปรับแต่งคุณภาพของภาพ การแยกส่วนภาพ การหาขอบของภาพวัตถุ การดึงค่าคุณลักษณะของภาพ โดยใช้เทคนิคต้นไม้ตัดสินใจในการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว และซึ่งอาศัยการนับจำนวนของเซลล์เม็ดเลือดแต่ละชนิดมาสร้างโมเดลการทำนายโรคไข้เลือดออกโดยใช้เทคนิคการจำแนก SVM จากรูปภาพเลือดจำนวน 277 ภาพ ความถูกต้องของโมเดลการทำนายโรคไข้เลือดออกมีความถูกต้องโดยรวม 77.26% โดยที่ใช้เวลารวมประมาณ 3 นาทีต่อกรณี

Abstract

In this study, we developed a novel approach/model in order to classify the extent of dengue infection based on the blood images previously collected from a white blood cell recognition system of a digital microscope with 400x magnification specifications. To do this, we

applied multiple image processing techniques such as: image enhancement, image segmentation, edge detection and feature extraction to better classify white blood cells in term of decision trees. Consequently, SVM methods were used to create prediction models. The results obtained from 277 blood cell images showed an accuracy of 77.26% to predict dengue fever that took time about 3 minutes per case.

1. บทนำ

โรคไข้เลือดออกคือโรคติดต่อที่มีสาเหตุมาจากไวรัสเดงกี (Dengue virus) เป็นการติดต่อจากคนสู่คนโดยมียุงลายเป็นพาหะของโรค ซึ่งเป็นปัญหาสุขภาพที่สำคัญในภูมิภาคเขตร้อนและภูมิภาคเอเชียแปซิฟิก การระบาดมีการแพร่กระจายอย่างรวดเร็ว [1] โดยเฉพาะในประเทศไทยในปี 2558 มีจำนวนผู้ป่วย 142,925 ราย จำนวนผู้ป่วยตาย 141 ราย อัตราป่วยต่อแสนประชากร 219.46 ราย อัตราตายต่อแสนประชากร 0.22 รายและอัตราป่วยตาย 0.10% พบว่ามีแนวโน้มเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องจากปีที่ผ่านมา ลักษณะอาการโรคไข้เลือดออกที่สำคัญที่ส่งผลต่ออัตราป่วยตายคือภาวะเลือดออกส่งผลให้เกิด

ภาวะช็อคและภูมิคุ้มกันผิดปกติ การวินิจฉัยและการรักษาได้อย่างถูกต้องและรวดเร็วปัจจัยสำคัญที่ส่งผลทำให้ลดความเสี่ยงของอัตราป่วยตาย

เม็ดเลือดขาว (White blood cell (WBC)) คือ เซลล์ที่มีนิวเคลียส แต่ไม่มีฮีโมโกลบิน มีหน้าที่ในการป้องกันการแพร่กระจายของเชื้อโรค แบ่งตามหน้าที่ได้ 2 คุณลักษณะได้แก่ ฟาโกไซต์ (Phagocyte) และลิมโฟไซต์ (Lymphocytes)

ฟาโกไซต์ (Phagocyte) มีหน้าที่ในการต่อต้านเชื้อโรคทำหน้าที่กลืนกินเชื้อโรค สิ่งแปลกปลอม หรือแบคทีเรียที่เข้าสู่ร่างกายได้แก่ นิวโทรฟิล (Neutrophils) อีโอสิโนฟิล (Eosinophils) เบโซฟิล (Basophils) และโมโนไซต์ (Monocytes) ดังแสดงลักษณะและรูปร่างดังในรูปที่ 1,2,3,4 ตามลำดับ

ลิมโฟไซต์ (Lymphocytes) ทำหน้าที่ในการสร้างภูมิคุ้มกันให้ร่างกาย ดังแสดงลักษณะและรูปร่างดังในรูปที่ 5



รูปที่ 3 เม็ดเลือดขาวชนิด Eosinophils



รูปที่ 4 เม็ดเลือดขาวชนิด Basophils



รูปที่ 5 เม็ดเลือดขาวชนิด Lymphocytes



รูปที่ 1 เม็ดเลือดขาวชนิด Neutrophils



รูปที่ 2 เม็ดเลือดขาวชนิด Monocytes

Tantikitti, S. , Premchaiswadi, W. และ Tumswadi, S. [8] ได้ศึกษาเทคนิคการตรวจจับไวรัสแดงก็โดยใช้การประมวลผลภาพโดยสร้างแบบจำลองสำหรับจำแนกประเภทเซลล์เม็ดเลือดขาวเพื่อจำแนกประเภทผู้ป่วยติดเชื้อไวรัสแดงก็โดยอาศัยเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ จากการศึกษาพบว่าแบบจำลองการวินิจฉัยโรคสำหรับรูปภาพจำนวน 264 ภาพ ที่ตรวจวินิจฉัยโรคไขเลือดออกมีความถูกต้องคิดเป็น 72.3%

งานวิจัยฉบับนี้เพื่อพัฒนาเทคนิคการปรับแต่งคุณภาพของภาพในขั้นตอนกระบวนการประมวลผลภาพสำหรับการตรวจจับไวรัสแดงก็และศึกษาโมเดล

การทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีโดยอาศัยเทคนิค Support Vector Machine (SVM)

2. หลักการและทฤษฎี

2.1 การประมวลผลภาพ (Image Processing)

การประมวลผลภาพ (Image Processing) เป็นการนำภาพมาประมวลผลโดยมีขั้นตอนที่ประกอบด้วย การลดสัญญาณรบกวน (Noise Filtering) การดึงค่าคุณลักษณะของภาพ (Image Features Extraction) และการดึงค่าคุณลักษณะของภาพ (Image Features Extraction) [2]

การลดสัญญาณรบกวน (Noise Reduction) – เป็นกระบวนการการลดค่าของสัญญาณรบกวนจากภาพ โดยการนำภาพมาผ่านตัวกรอง (Filter) ซึ่งภาพที่ได้จะมีลักษณะที่เรียบขึ้น

การปรับแต่งคุณภาพของภาพ (Image Enhancement) – เป็นขั้นตอนที่ทำให้ภาพมีคุณภาพมากขึ้นเช่น การปรับความเข้มของสี (Level) การปรับความสว่างของภาพ (Brighten) และการปรับเปรียบต่าง (Contrast) เป็นต้น ทำให้ภาพมีความชัดเจนมากขึ้นเพื่อช่วยต่อการแยกส่วนของภาพ

การดึงค่าคุณลักษณะของภาพ (Image Features Extraction) – ในการจำแนกประเภทของวัตถุที่สนใจจากภาพจะต้องดึงค่าคุณลักษณะเช่น ขนาดพื้นที่ของวัตถุ ค่าสีของวัตถุ ขอบภาพของวัตถุ ความกว้างวัตถุ ความยาววัตถุ ตำแหน่งของวัตถุ และจำนวนวัตถุจากภาพ เป็นต้น โดยที่คุณลักษณะเหล่านี้จะต้องเป็นคุณลักษณะที่มีความชัดเจนและจำนวนคุณสมบัติเพียงพอต่อการจำแนกภาพในขั้นตอนต่อไป

2.2 การจำแนกกลุ่มและการทำนาย (Classification and Prediction)

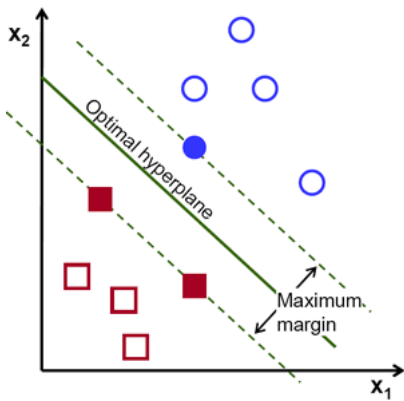
ตัวแบบการทำนาย (Predictive Modeling) เป็นโมเดลการจำแนก (Classifier Model) ที่สามารถใช้ในการทำนายตัวแปรที่ไม่ทราบค่า (Class Label) ซึ่งกระบวนการสร้างโมเดลโดยการนำเอาข้อมูลมาแบ่งเป็น 2 ส่วน โดยนำส่วนแรกมาสอนแก่ระบบ (Training Data) เพื่อสร้างโมเดลการจำแนก และนำข้อมูลส่วนที่สองซึ่งเป็นข้อมูลทดสอบ (Testing Data) มาทำการทดสอบโมเดลที่ถูกสร้างขึ้นเพื่อวัดค่าความถูกต้องของโมเดล และเมื่อต้องการใช้งานก็นำข้อมูลที่ต้องการทำนายมาผ่านโมเดลการจำแนก

2.2.1 ต้นไม้ตัดสินใจ (Decision Tree) โดยแบบจำลองนี้เป็นการเรียนรู้แบบมีผู้สอน (Supervised Learning) ที่ประกอบด้วยชุดข้อมูลตัวแปรทำนาย (Predictor Variable) และตัวแปรตอบสนอง (Response Variable) ใช้สำหรับทำนายโดยมีส่วนประกอบได้แก่ โหนดราก (Root) โหนดใบ (Leaf) และกิ่งก้าน (Branch) โดยที่กิ่งก้านจะแตกออกจากโหนดรากไปตามเงื่อนไขจนถึงโหนดใบ (Leaf) ที่เป็นโหนดสุดท้าย ซึ่งโหนดใบแต่ละโหนดแสดงถึงรูปแบบ (Pattern) ของแต่ละตัวแปรทำนาย โดยที่จากสมการที่ (1) Information Gain เป็นค่าที่แสดงถึงโหนดรากแบบจำลองและประกอบด้วยค่า Entropy เพื่อการแตกแขนงของกิ่งก้านจากโหนดรากแสดงการคำนวณในสมการที่ (2)

$$Gain(S, A) = E(s) - \sum_{v \in Values(A)} \frac{|S_v|}{|S|} E(S_v) \quad (1)$$

$$E(s) = \sum_{i=1}^n -P(V_i) \log_2 P(V_i) \quad (2)$$

2.2.2 Support Vector Machine (SVM) [3] เป็นวิธีการที่นำมาแยกกลุ่มของข้อมูลโดยอาศัยระนาบสำหรับแบ่งเขตแดนของกลุ่มข้อมูลออกจากกันเป็นสองฝั่ง โดยที่มี เวกเตอร์ (Vector) แทนจำนวนเขตของคุณลักษณะ ที่ซึ่ง Hyperplane เป็นตัวแยกกลุ่มของเวกเตอร์ ส่วน Margin เป็นระยะห่างจากเส้นตรง Hyperplane ถึงเส้นตรงที่ผ่านข้อมูลที่ใกล้ที่สุดและขนานกับ Hyperplane ของทั้งสองกลุ่ม โดยที่ SVM จะเลือก Hyperplane ที่มีค่า Margin สูงสุด (Maximum Margin) ดังแสดงในรูปที่ 6



รูปที่ 6 Support Vector Machine ใน 2 มิติ

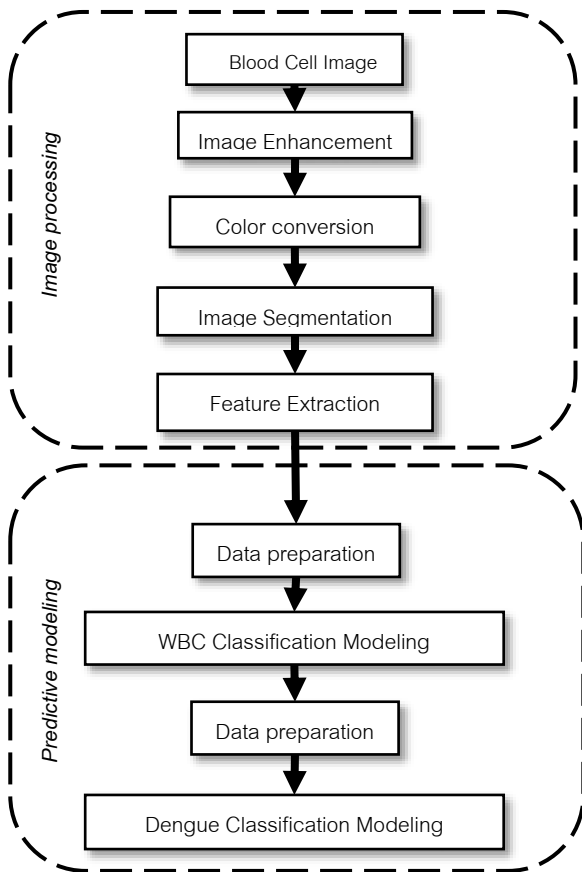
3. วิธีการวิจัย

ระบบการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี โดยอาศัยการรับภาพเลือดมาทำการการแยกส่วนของภาพจากนั้นดึงค่าคุณลักษณะจากรูปภาพแล้วทำการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยใช้กฎการตัดสินใจ (Decision Rules) จากโมเดลการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว และทำนายจากข้อมูลตัวแปรต่าง ๆ จากการนับและการคำนวณของแต่ละชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากกฎการตัดสินใจของโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี โดยที่ประกอบด้วย 3 ระบบ ได้แก่ระบบการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี

ระบบการสร้างโมเดลระบบรู้จำของเซลล์เม็ดเลือดขาว และระบบการสร้างโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี

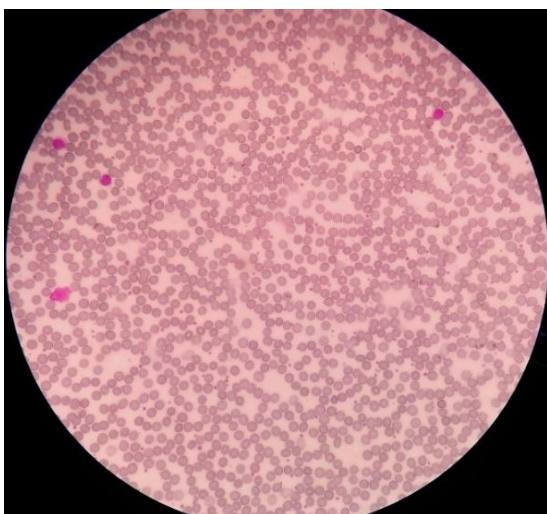
3.1 การออกแบบระบบการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี

ขั้นตอนการออกแบบระบบการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีดังแสดงในรูปที่ 7 ประกอบด้วยขั้นตอนการเตรียมรูปภาพเลือด (Blood Cell Image) การปรับแต่งคุณภาพของภาพ (Image Enhancement) การแปลงโมเดลสี (Color conversion) การแยกส่วนของภาพ (Image Segmentation) การสกัดข้อมูลคุณสมบัติจากรูปภาพ (Feature Extraction) การจัดเตรียมข้อมูล (Data preparation) การจำแนกประเภทชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว (WBC Classification Modeling) และการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี (Dengue Classification Modeling)



รูปที่ 7 กระบวนการทำงาน

3.1.1 การเตรียมรูปภาพเลือด (Blood Cell Image)



รูปที่ 8 ภาพเลือดต้นฉบับ

จากรูปที่ 8 เป็นรูปภาพตัวอย่างที่ใช้เป็นชุดข้อมูลในการทำวิจัยโดยจากสเมียร์เลือด (Blood smear) โดยบันทึกภาพผ่านกล้องจุลทรรศน์ดิจิทัลกำลังขยาย 400 เท่า รูปภาพที่ได้เป็นภาพสีโมเดล RGB ขนาดของภาพ 1600x1200 พิกเซล และความลึกของสี (Bit Depth) ขนาด 8 บิต

3.1.2 การปรับแต่งคุณภาพของภาพ (Image Enhancement)

วิธีการปรับแต่งคุณภาพของภาพเป็นการเพิ่มความเด่นชัดของภาพวัตถุและให้มีความชัดเจมากขึ้นเพื่ออำนวยความสะดวกของภาพ โดยนำภาพเลือดต้นฉบับมาผ่านกระบวนการปรับความอิ่มตัวของสี (Saturation) เป็นวิธีการเพิ่มสีให้มีความสดของภาพวัตถุเพิ่มขึ้นโดยใช้ฟังก์ชันการคูณและการบวกของความอิ่มตัวของสี (Multiplication and Addition Saturation) ของโมเดลสี HSV ดังแสดงสมการที่ 3 [4]

$$G(i, j, s) = \alpha f(i, j, s) + \beta \quad (3)$$

โดย α แทนค่าพารามิเตอร์ของสำหรับปรับตัวคูณ (multiplication) โดย $\alpha > 0$

β แทนค่าพารามิเตอร์ของสำหรับปรับตัวบวก (addition)

$F(i, j, s)$ แทนค่าความอิ่มตัวของสี (Saturation) ณ ตำแหน่งจุดภาพที่ i, j ของภาพต้นฉบับ โมเดลสี HSV $G(i, j, s)$ แทนภาพผลลัพธ์ (ค่าความอิ่มตัวของสีภาพผลลัพธ์จะต้องอยู่ในช่วง 0-255)

3.1.3 การแปลงโมเดลสี (Color Conversion)

รูปภาพที่ได้จากกล้องจุลทรรศน์ดิจิทัลเป็นภาพโมเดลสี RGB ในแต่ละหน่วยพิกเซล

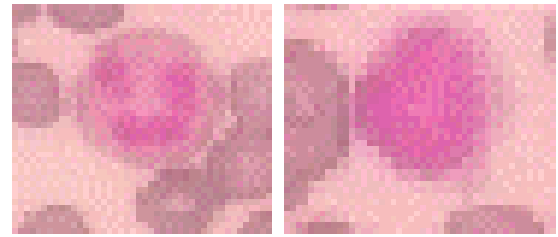
ประกอบด้วยสีแดง สีเขียวและสีน้ำเงิน เพื่อทำให้เกิดความยุ่งยากในกระบวนการการแยกส่วนภาพโดยแปลงโมเดลสีเป็นโมเดลสี HSV ในแต่ละหน่วยพิกเซลประกอบด้วยมุมของสี (Hue) ความบริสุทธิ์ของสี (Saturation) และความสว่างของสี (Value) [5]

3.1.4 การแยกส่วนภาพ (Image Segmentation)

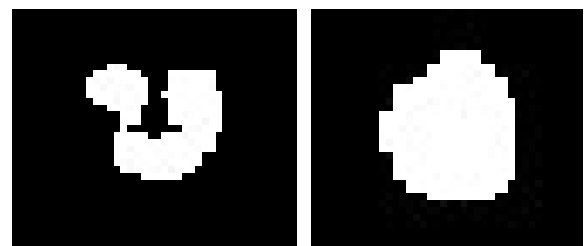
ในขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนการเลือกส่วนของวัตถุที่สนใจออกจากภาพทั้งหมด โดยส่วนพื้นที่ต้องการศึกษาคือพื้นที่ของนิวเคลียสในเซลล์เม็ดเลือดขาว [6] โดยเลือกใช้การทำเทรชโฮลด์ในระบบ 3 มิติ (3-Dimensional Thresholds) คือการทำเทรชโฮลด์ทั้ง 3 ค่าของโมเดลสี HSV ได้แก่การเลือกช่วงของค่าสี ค่าความบริสุทธิ์ของสี และค่าความสว่างของสี โดยมีค่าขอบบน (Upper Boundary) และค่าขอบล่าง (Lower Boundary) เป็นตัวกำหนดขอบเขต ค่าที่อยู่ในขอบเขตจะกลายเป็นภาพของของนิวเคลียสซึ่งเป็นวัตถุที่กำลังสนใจ ส่วนค่าที่ไม่ได้อยู่ในขอบเขตจะกลายเป็นภาพพื้นหลัง สามารถเขียนอยู่ในรูปแบบพีชคณิตดังในสมการที่ 4

$$det(I) = [lowerb(I)_0 \leq scr(I)_0 \leq upperb(I)_0] \wedge [lowerb(I)_1 \leq scr(I)_1 \leq upperb(I)_1] \wedge [lowerb(I)_2 \leq scr(I)_2 \leq upperb(I)_2] \quad (4)$$

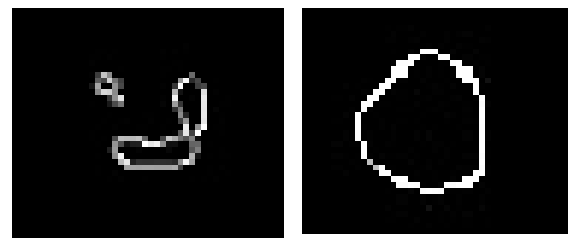
จากรูปที่ 9 ภาพต้นฉบับเซลล์เม็ดเลือดขาว ส่วนรูปที่ 10 เป็นภาพผลลัพธ์ที่ได้ซึ่งเป็นภาพขาวดำ (Binary image) โดยพื้นที่ที่เป็นสีขาวมีค่าเท่ากับ 1 และส่วนที่เป็นสีดำมีค่าเท่ากับ 0



รูปที่ 9 ภาพต้นฉบับเซลล์เม็ดเลือดขาว



รูปที่ 10 ภาพไบนารีของเซลล์เม็ดเลือดขาว



รูปที่ 11 ขอบของภาพเทคนิค Canny edge detector

ขั้นตอนวิธีการสำหรับตรวจจับและค้นหาขอบของสีที่แตกต่างมาทำหาส่วนที่เป็นขอบรอบนิวเคลียส โดยใช้เทคนิค Finding contours และ เทคนิค Canny edge detector [7] ดังในรูปที่ 11

3.1.5 การสกัดข้อมูลคุณสมบัติจากรูปภาพ (Feature Extraction)

ในการแยกชนิดของเม็ดเลือดโดยใช้ค่าคุณสมบัติเพื่อเป็นตัวแปรทำนายให้แก่แบบจำลองการจำแนกประเภทชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว และ

แบบจำลองการจำแนกประเภทของการทำนายผู้มีภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี โดยสกัดคุณสมบัตินี้

ความกว้าง (Width): คือความกว้างของนิวเคลียส

ความสูง (Height): ความสูงของนิวเคลียส

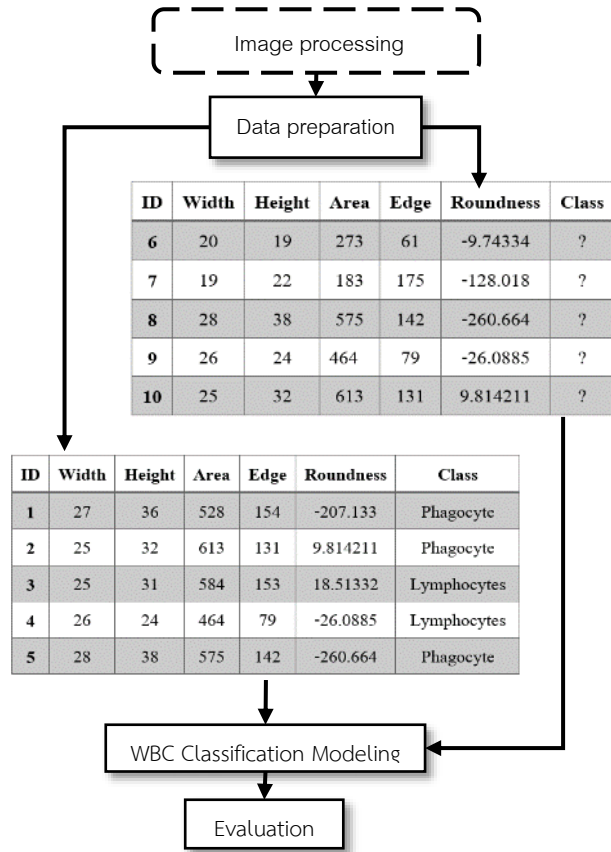
ขนาดพื้นที่ (Area): ขนาดของพื้นที่ของนิวเคลียสในบริเวณที่สนใจ

ความกลม (Roundness): ค่าความกลมของนิวเคลียส

ความยาวขอบ (Edge): ขนาดของความยาวโดยรอบพื้นที่นิวเคลียส

3.2 การสร้างโมเดลระบบรู้จำชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว

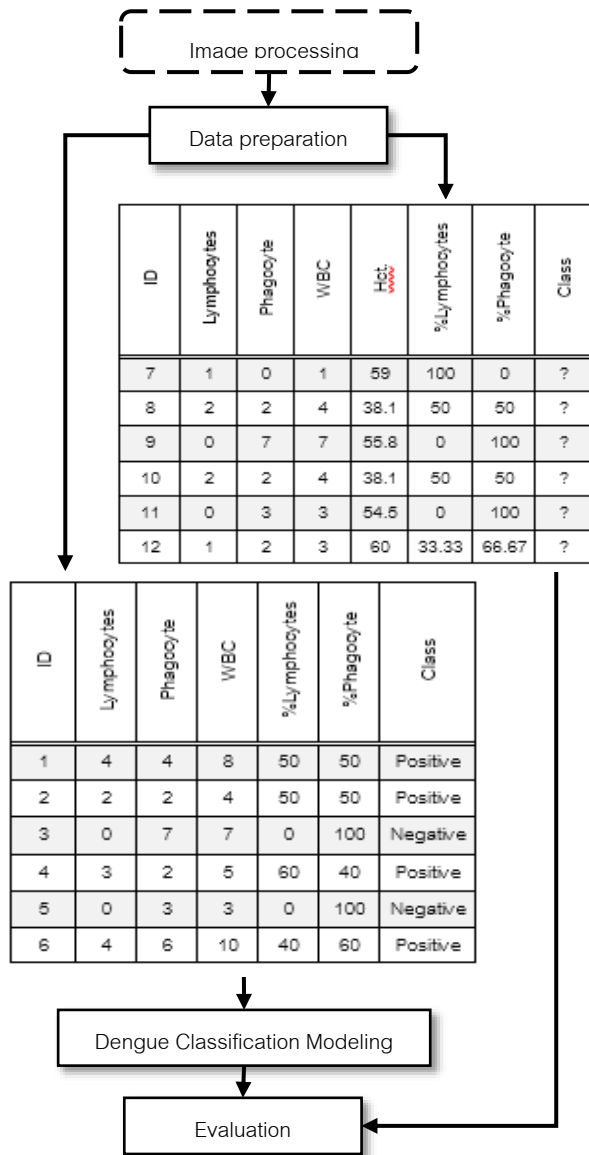
[8] ขั้นตอนการสร้างโมเดลเพื่อจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวดังแสดงในรูปที่ 12 ประกอบด้วยขั้นตอน การประมวลผลภาพ (Image processing) การจัดเตรียมข้อมูล (Data preparation) โดยแบ่งข้อมูลออกเป็น 2 ชุดได้แก่ชุดข้อมูลสำหรับสอนแก่ระบบ (Training data) เพื่อใช้ในการสร้างตัวแบบสำหรับการจำแนกประเภทชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว (WBC Classification Modeling) โดยใช้เทคนิคขั้นตอนวิธีต้นไม้ตัดสินใจ และข้อมูลทดสอบ (Testing Data) เพื่อใช้การประเมินตัวแบบ (Evaluation)



รูปที่ 12 การสร้างโมเดลแยกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว

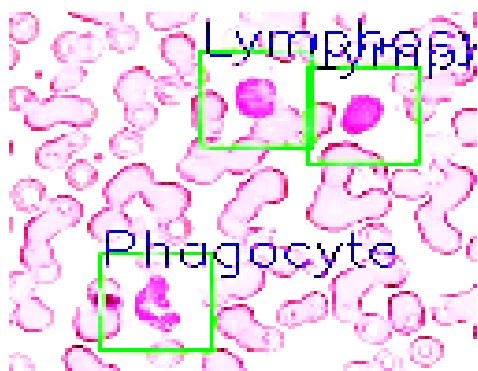
3.3 การสร้างโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี

การสร้างโมเดลจำแนกประเภทของการทำนายโดยอาศัยเทคนิค SVM ระหว่างผู้มีภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกี (Positive) หรือผู้มีภาวะปกติ (Negative) ขั้นตอนวิธีการสร้างโมเดลดังแสดงในรูปที่ 13 โดยข้อมูลที่ถูกแยกออก 40% นำมาสอนแก่ระบบประกอบด้วยตัวแปรทำนายได้แก่ จำนวนลิมโฟไซต์ จำนวนฟาโกไซต์ จำนวนร้อยละลิมโฟไซต์ จำนวนร้อยละฟาโกไซต์ และจำนวนรวมเซลล์เม็ดเลือดขาว ส่วนตัวแปรตอบสนอง หรือที่เรียกว่า Class คือภาวะของการติดเชื้อไวรัสเดงกี



รูปที่ 13 การสร้างโมเดลการทำนายผู้ติดเชื้อไวรัสเดงกี

4. ผลการวิจัยและอภิปรายผล



รูปที่ 14 ระบบรู้จำชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว

จากภาพที่ 14 แสดงระบบรู้จำที่ตรวจจับตำแหน่งและระบุชนิดของแต่ละเซลล์เม็ดเลือดขาว

4.1 การประเมินตัวแบบ (Evaluation)

จากตารางที่ 1 แสดงถึงค่าของผลของการทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลระบบรู้จำชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว โดยทดสอบเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวน 167 เซลล์ จำแนกได้อย่างถูกต้องจำนวน 154 เซลล์ คิดเป็น 92.21%

ตารางที่ 1 ประสิทธิภาพของโมเดลระบบรู้จำชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยอาศัยเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ

| | | |
|---------|-----|--------|
| Correct | 154 | 92.21% |
| Wrong | 13 | 7.79% |
| Total | 167 | 100% |

ในขั้นตอนการทดสอบเพื่อทำการวัดประสิทธิภาพของโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีที่ถูกสร้างขึ้น ผลการทดสอบใช้มาตรวจวัดประสิทธิภาพของโมเดลจำแนกประเภทข้อมูล (Confusion Matrix) ประเมินผลลัพธ์การทำนายจากภาพเลือดตัวอย่างจำนวน 277 ภาพ มีค่าความไว (Sensitivity) 67.71% ค่าความจำเพาะ (Specificity) 85.33% และค่าความถูกต้อง (Accuracy) 77.26%

ตารางที่ 2 Confusion matrix ของโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีโดยอาศัยเทคนิค SVM

| | Predicted: Positive | Predicted: Negative | Total |
|-----------------|---------------------|---------------------|-------|
| Dengue-Positive | TP=86 | FN=41 | 127 |
| Dengue-Negative | FP=22 | TN=128 | 150 |
| Total | 108 | 169 | 277 |

เมื่อเปรียบเทียบคุณสมบัติเฉพาะของประสิทธิภาพระหว่างโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีโดยอาศัยเทคนิค SVM กับเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจดังที่แสดงในตารางที่ 3 พบว่าค่าความไวของเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจคือโอกาสของผลการทำนายให้เป็นบวกจากผู้มีภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีมีค่าโอกาสที่สูงกว่าเทคนิค SVM

ส่วนค่าความจำเพาะคือโอกาสที่ผลการทำนายให้ผลลบจากคนปกติ ค่าความถูกต้องคือโอกาสทำนายได้ถูกต้องจากจำนวนตัวอย่างทั้งหมด ค่าทำนายผลบวก (Positive Predictive Value) คือโอกาสของผู้มีภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีที่มีผลการทำนายเป็นบวกจากจำนวนผลการทำนายผลตรวจทั้งหมดที่เป็นบวก ค่าทำนายผลลบ (Negative Predictive Value) คือโอกาสของคนปกติที่มีผลการทำนายเป็นลบจากจำนวนผลการทำนายผลตรวจทั้งหมดที่เป็นลบ และค่าLikelihood Ratio+ แสดงถึงประสิทธิภาพของการทำนาย ที่วัดจากอัตราส่วนของความน่าจะเป็นของผลการทำนายในผู้มีภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีเปรียบเทียบกับคนปกติ จากทุกค่าที่กล่าวข้างต้นนั้นเทคนิค SVM สูงกว่าเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ

ตารางที่ 3 เปรียบเทียบคุณสมบัติเฉพาะของประสิทธิภาพของโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีโดยอาศัยเทคนิค SVM กับเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ [8]

| Measures \ Methods | Decision Tree | SVM |
|---------------------------|---------------|--------|
| Sensitivity | 71.2% | 67.71% |
| Specificity | 73.3% | 85.33% |
| Accuracy | 72.3% | 77.26% |
| Positive predictive value | 70.63% | 79.63% |
| Negative predictive value | 73.91% | 75.74% |
| Likelihood ratio+ | 2.67 | 4.62 |

ส่วนเวลาที่ใช้ในการตรวจวินิจฉัยโรคใช้เลือดออกไวรัสเดงกีในแต่ละกรณี สำหรับการเตรียมรูปภาพเลือดใช้เวลาประมาณ 3 นาที และใช้เวลาแบบเรียลไทม์สำหรับการประมวลผลด้วยคอมพิวเตอร์

5. ผลสรุปและข้อเสนอแนะ

การวิจัยฉบับนี้ได้นำเสนอวิธีการบ่งชี้โรคใช้เลือดออกที่เกิดจากไวรัสเดงกีโดยการนำภาพมาผ่านการประมวลผลภาพ โดยใช้เทคนิคต้นไม้ตัดสินใจในการการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว และอาศัยการนับจำนวนของเซลล์เม็ดเลือดแต่ละชนิดมาสร้างโมเดลการทำนายโรคใช้เลือดออกโดยใช้เทคนิคการจำแนก SVM พบว่าโมเดลระบบรู้จำเซลล์เม็ดเลือดโดยใช้เทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ จากรูปภาพจำนวน 167 เซลล์ ความถูกต้องโดยรวม 92.2% และโมเดลการทำนายภาวะติดเชื้อไวรัสเดงกีโดยใช้เทคนิคการจำแนก SVM สำหรับรูปภาพจำนวน 277 ภาพ ที่ตรวจวินิจฉัยโรคใช้เลือดออกไวรัสเดงกีมีความถูกต้องโดยรวม 77.26% ซึ่งมีประสิทธิภาพโดยรวมของคุณสมบัติเฉพาะสูงกว่าโมเดลการทำนายที่สร้างด้วยเทคนิคต้นไม้ตัดสินใจ และการวินิจฉัยใช้เวลาประมาณ 3 นาทีต่อกรณี

6. เอกสารอ้างอิง

- [1] World Health Organization, Special Programme for Research, Training in Tropical Diseases, World Health Organization. Department of Control of Neglected Tropical Diseases, World Health Organization. Epidemic, & Pandemic Alert. (2009). Dengue: guidelines for diagnosis,

treatment, prevention and control. World Health Organization.

- [2] Sonka, M., Hlavac, V., & Boyle, R. (2014). Image processing, analysis, and machine vision. Cengage Learning.
- [3] Pang-Ning Tan. (2014). Introduction to Data Mining. "Pearson education inc."
- [4] Russ, J. C. (2011). The image processing handbook. CRC press.
- [5] Nixon, M. (2008). Feature extraction & image processing. Academic Press.
- [6] Parker, J. R. (2010). Algorithms for image processing and computer vision. John Wiley & Sons.
- [7] Bradski, G., & Kaehler, A. (2008). Learning OpenCV: Computer vision with the OpenCV library. " O'Reilly Media, Inc."
- [8] Tantikitti, S., Tumswadi, S., & Premchaiswadi, W. (2015, November). Image processing for detection of dengue virus based on WBC classification and decision tree. In ICT and Knowledge Engineering (ICT & Knowledge Engineering 2015), 2015 13th International Conference on (pp. 84-89). IEEE.